

## Appendix II: Alignment of instant SEQ ID NO: 1 and GenBank Accession No. XM\_031289

BLASTN 2.2.22+

Reference: Zheng Zhang, Scott Schwartz, Lukas Wagner, and Webb Miller (2000), "A greedy algorithm for aligning DNA sequences", J Comput Biol 2000; 7(1-2):203-14.

RID: SK6K2T8112

Query= SID\_1  
Length=1629

Sequences producing significant alignments:	Score (Bits)	E Value
ref XM_031289.1  Homo sapiens similar to interleukin 8 (H. sa...	3009	0.0

## ALIGNMENTS

>ref|XM\_031289.1| Homo sapiens similar to interleukin 8 (H. sapiens) (LOC133094), mRNA

Length=1630

Score = 3009 bits (1629), Expect = 0.0  
Identities = 1629/1629 (100%), Gaps = 0/1629 (0%)  
Strand=Plus/Plus

Query	1	GCAGAGCACACAAAGCTTCTAGGACAAGAGCCAGGAAGAAACCACCGGAAGGAACCATCTC	60
Sbjct	2	GCAGAGCACACAAAGCTTCTAGGACAAGAGCCAGGAAGAAACCACCGGAAGGAACCATCTC	61
Query	61	ACTGTGTGTAACATGACTTCCAAGCTGGCCGTGGCTCTCTTGGCAGCCTTCTCTGATTTC	120
Sbjct	62	ACTGTGTGTAACATGACTTCCAAGCTGGCCGTGGCTCTCTTGGCAGCCTTCTCTGATTTC	121
Query	121	TGCAGCTCTGTGTGAAGGTGCAGTTTTGCCAAGGAGTGCTAAAGAACTTAGATGTCAGTG	180
Sbjct	122	TGCAGCTCTGTGTGAAGGTGCAGTTTTGCCAAGGAGTGCTAAAGAACTTAGATGTCAGTG	181
Query	181	CATAAAGACATACTCCAAACCTTTCCACCCCAAATTATCAAGAACTGAGAGTGATTGA	240
Sbjct	182	CATAAAGACATACTCCAAACCTTTCCACCCCAAATTATCAAGAACTGAGAGTGATTGA	241
Query	241	GAGTGGACCACACTGCGCCAACACAGAAATTATGTAAGCTTTCTGATGGAAGAGAGCTC	300
Sbjct	242	GAGTGGACCACACTGCGCCAACACAGAAATTATGTAAGCTTTCTGATGGAAGAGAGCTC	301
Query	301	TGCTCGGACCCCAAGGAAAACCTGGGTGCAGAGGGTTGTGGAGAAGTTTTTGAAGAGGGCT	360
Sbjct	302	TGCTCGGACCCCAAGGAAAACCTGGGTGCAGAGGGTTGTGGAGAAGTTTTTGAAGAGGGCT	361
Query	361	GAGAATTCAGAATTCATAAAAAAATTCATTCTCTGTGGTATCCAAGAATCAGTGAAGATG	420
Sbjct	362	GAGAATTCAGAATTCATAAAAAAATTCATTCTCTGTGGTATCCAAGAATCAGTGAAGATG	421
Query	421	CCAGTGAAACTTCAAGCAATCTACTTCAACACTTCATGTATTGTGTGGGTCTGTTGTAG	480
Sbjct	422	CCAGTGAAACTTCAAGCAATCTACTTCAACACTTCATGTATTGTGTGGGTCTGTTGTAG	481
Query	481	GTTTGCAGATGCAATACAAGATTCTGGTTAAATTTGAATTCAGTAACAATGAATAG	540

Sbjct	482		541
Query	541	TTTTTCATTGTACCATGAAATATCCAGAACATACTTATATGTAAAGTATTATTTATTGA	600
Sbjct	542	TTTTTCATTGTACCATGAAATATCCAGAACATACTTATATGTAAAGTATTATTTATTGA	601
Query	601	ATCTACAAAAACAACAAATAATTTTAAATATAAGGATTTTCCTAGATATTGCACGGGA	660
Sbjct	602	ATCTACAAAAACAACAAATAATTTTAAATATAAGGATTTTCCTAGATATTGCACGGGA	661
Query	661	GAATATACAAATAGCAAAATTGAGGCCAAGGGCCAAGAGAATATCCGAACCTTAATTTCA	720
Sbjct	662	GAATATACAAATAGCAAAATTGAGGCCAAGGGCCAAGAGAATATCCGAACCTTAATTTCA	721
Query	721	GGAATTGAATGGGTTTGCTAGAATGTGATATTGAAGCATCACATAAAATGATGGGACA	780
Sbjct	722	GGAATTGAATGGGTTTGCTAGAATGTGATATTGAAGCATCACATAAAATGATGGGACA	781
Query	781	ATAAATTTTGCCATAAAGTCAAATTTAGCTGGAAATCCTGGATTTTTTCTGTTAAATCT	840
Sbjct	782	ATAAATTTTGCCATAAAGTCAAATTTAGCTGGAAATCCTGGATTTTTTCTGTTAAATCT	841
Query	841	GGCAACCTAGTCTGCTAGCCAGGATCCACAAGTCCTTGTTCCTAGTGCCTTGGTTTCT	900
Sbjct	842	GGCAACCTAGTCTGCTAGCCAGGATCCACAAGTCCTTGTTCCTAGTGCCTTGGTTTCT	901
Query	901	CCTTTAATTTCTAAGTGGAAAAAGTATTAGCCACCATCTTACCTCACAGTGATGTTGTGAG	960
Sbjct	902	CCTTTAATTTCTAAGTGGAAAAAGTATTAGCCACCATCTTACCTCACAGTGATGTTGTGAG	961
Query	961	GACATGTGGAAGCACTTTAAGTTTTTTCATCATAACATAAAATTTTCAAGTGTAACCT	1020
Sbjct	962	GACATGTGGAAGCACTTTAAGTTTTTTCATCATAACATAAAATTTTCAAGTGTAACCT	1021
Query	1021	ATTAACTATTATTATTTATGTATTTATTTAAGCATCAAATTTTGTGCAAGAATTGG	1080
Sbjct	1022	ATTAACTATTATTATTTATGTATTTATTTAAGCATCAAATTTTGTGCAAGAATTGG	1081
Query	1081	AAAAATAGAAGATGAATCATTGATTGAATAGTTATAAAGATGTTATAGTAAATTTATTT	1140
Sbjct	1082	AAAAATAGAAGATGAATCATTGATTGAATAGTTATAAAGATGTTATAGTAAATTTATTT	1141
Query	1141	ATTTTAGATATTAAATGATGTTTTATTAGATAAAATTTCAATCAGGGTTTTTAGATTAAC	1200
Sbjct	1142	ATTTTAGATATTAAATGATGTTTTATTAGATAAAATTTCAATCAGGGTTTTTAGATTAAC	1201
Query	1201	AAACAAACAATTTGGGTACCCAGTTAAATTTTCATTTTCAGATAAAACAACAAATAATTTTT	1260
Sbjct	1202	AAACAAACAATTTGGGTACCCAGTTAAATTTTCATTTTCAGATAAAACAACAAATAATTTTT	1261
Query	1261	AGTATAAGTACATTATGTTTATCTGAAATTTTAATTGAACTAACATCCTAGTTTGATA	1320
Sbjct	1262	AGTATAAGTACATTATGTTTATCTGAAATTTTAATTGAACTAACATCCTAGTTTGATA	1321
Query	1321	CTCCAGTCTTGTCAATTGCCAGCTGTGTGGTAGTGCTGTGTTGAATTACGGAATAATGA	1380
Sbjct	1322	CTCCAGTCTTGTCAATTGCCAGCTGTGTGGTAGTGCTGTGTTGAATTACGGAATAATGA	1381
Query	1381	GTTAGAAGTATTAAACAGCCAAAACCTCCACAGTCAATATTAGTAATTTCTGTGCTGGT	1440

```

Sbjct 1382  |||||
GTTAGAACTATTAAAAACAGCCAAAACCTCCACAGTCAATATTAGTAATTTCTTGCTGGTGTG 1441

Query 1441  AAACCTTGTTTATTATGTACAAATAGATTCTTATAATATTATTTAAATGACTGCATTTTAA 1500
|||||

Sbjct 1442  AAACCTTGTTTATTATGTACAAATAGATTCTTATAATATTATTTAAATGACTGCATTTTAA 1501
|||||

Query 1501  AATACAAGGCTTTATATTTTTTAACCTTTAAGATGTTTTTATGTGCTCTCCAAATTTTTTTT 1560
|||||

Sbjct 1502  AATACAAGGCTTTATATTTTTTAACCTTTAAGATGTTTTTATGTGCTCTCCAAATTTTTTTT 1561
|||||

Query 1561  ACTGTTTCTGATTGTATGGAATATAAAAAGTAAATATGAAACATTAAAAATATAATTTGT 1620
|||||

Sbjct 1562  ACTGTTTCTGATTGTATGGAATATAAAAAGTAAATATGAAACATTAAAAATATAATTTGT 1621
|||||

Query 1621  TGTCAAAGT 1629
|||||

Sbjct 1622  TGTCAAAGT 1630

```